

PCT

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70. 15/79, 15/10

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 99/54461

(43) Internationales

Ver"ffentlichungsdatum:

28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/01174

A2

(22) Internationales Anmeldedatum:

15. April 1999 (15.04.99)

(30) Prioritätsdaten:

198 17 948.0

17. April 1998 (17.04.98)

DF

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC. NL, PT, SE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE), HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE

.... MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according t said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL AM AT AU AZ BA BB BE BF BG BJ BR CCF CCI CCM CCZ DE CCI DE EE	Albanien Armenien Österreich Australien Aserbaidschan Bosnien-Herzegowina Barbados Belgien Burkina Faso Bulgarien Benin Brasilien Belarus Kanada Zentralafrikanische Republik Kongo Schweiz Côte d'Ivoire Kamerun China Kuba Tschechische Republik Deutschland Dänemark Estland	ES FI FR GA GB GE GN GR HU IE IL IS IT JP KE KG KP KZ LC LI LK LR	Spanien Finnland Frankreich Gabun Vereinigtes Königreich Georgien Ghana Guinea Griechenland Ungarn Irland Isrzel Island Italien Japan Kenia Kirgisistan Demokratische Volksrepublik Korea Republik Korea Kasachstan St. Lucia Liechtenstein Sri Lanka Liberia	LS LT LU LV MC MM MK MN MN MN NE NO NO NO PL PT RU SE SG	Lesotho Litauen Luxemburg Lettland Monaco Republik Moldau Madagaskar Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien Mali Mongolei Mauretanien Malawi Mexiko Niger Niederlande Norwegen Neuseeland Polen Portugal Rumanien Russische Föderation Sudan Schweden Singapur	SI SK SN SZ TD TG TJ TM TR TT UA UG US UZ VN YU ZW	Slowenien Slowakei Senegal Swasiland Tachad Togo Tadschikistan Turkmenistan Turkei Trinidad und Tobago Ukraine Uganda Vereinigte Staaten von Amerika Usbekistan Vietnam Jugoslawien Zimbabwe
--	---	--	---	--	---	--	--

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

10

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
attotaggac caacactoot gtggagacgt ggaaaggtto caaaggcaaa cagtootata 60
15
     cetacateat tgaggagaac actaccacga getteacetg ggeettecag aggaccactt 120
     ttcatgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
     ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
     tgggctcctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacst 300
     gocacteeig coccectaac acaattetga aagoccacca goottatggt gtocaggoot 360
20
     gtgtgccctg tggtccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
     geacettete aegeaacaet ecaaceagga ettteaaeta caacttetee getttggeaa 480
     acaccytcac tettgetgga gggccaaget teaettecaa agggttgaaa taettecate 540
     actttaccet cagtetetgt ggaaaceagg gtaggaaaat gtetgtgtge acegacaatg 600
     teactgacet eeggatteet gagggtgagt eagggttete caaatetate acageetaeg 660
25
     totgocaggo agtoatoato coccoagagg tgacaggota caaggooggg gtttoctoac 720
     agectgreag cettgetgat egaettattg gggtgacaac agatatgaet etggatggaa 780
     tracetree agetgaactt trecacetgg agtsettggg aataceggae grgatettet 840
     tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
     tcaggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
     atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggct gcttgcccgc1020
30
     tetgeteagt ggetgactae catgetateg teageagetg tgtggetggg atccagaaga1080
     ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcagall40
     gagtcaccat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct1200
     gtactgccat cetgeteace gtettgacet getacttttg gaaaaagaat caaaaactag1260
     agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag1320
35
     ctgacagetg egecateatg gaaggegagg atgtagagga egaceteate tttaccagea1380 **
     agaagtcact ctttgggaag atcaaatcat ttacctccaa gaggactcct gatggatttg1440
     actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gcccagacat ggacctgtga gaggcactgc1500
     ctgcctcacc tgcctcctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttgggtg1560
40
     ccagcatect geaacaccca etgetggaaa tetetteatt gtggeettat cagatgtttg1620
     aatttcagat cttttttat agagtaccca aaccctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc1680
     caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLDSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60 QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:
 - (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:
- PSPAVLGEOP PSASGAVHRK LSLEVCCCOE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
 MLSSAAVWLG SRRLLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:
 - (A) LÄNGE: 495 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

40

30

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:
- 45 SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIEENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
 NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
 VPCGPGTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
 FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
 PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLG1PDV1FF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
 FTYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE42C
 YKYSKLVMNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGFD480
 SVPLKTSSGG PDMDL

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Patentansprüch

- 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos1 126 und
 Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

- 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufw ist.
- 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11 Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
 - 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
 - 17 Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
 - 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 od r 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem <u>E. coli</u> und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

10

25

30

45

Because the state of the former to any want to

- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder ein s Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
 - 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80% iger Homologie zu diesen Sequenzen.
 - 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

25



- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung der Sendometriumtumor.
- 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 34 Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
 - 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
 - 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
 - 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.